昆 虫 学 报 *Acta Entomologica Sinica*, May 2008, 51(1):545 – 550 ISSN 0454-6296

# 兔痒螨和水牛痒螨第二转录间隔区(ITS-2)基因序列分析

**贾小勇**[1]，**杨光友**[1,*]，**古小彬**[1]，**赖松家**[2]

(1. 四川农业大学动物医学院,四川雅安 625014;2. 四川农业大学动物科技学院,四川雅安 625014)

**摘要**:为了探讨水牛痒螨株和兔痒螨株的分类地位,采用 PCR 技术扩增了四川水牛痒螨株和四川兔痒螨株的第二内部转录间隔区(ITS-2)基因,并与 GenBank 中注册的 5 个国外痒螨株的同源基因进行了比较。序列分析发现:兔痒螨株和水牛痒螨株的序列长度分别为 277 bp 和 281 bp,两序列间存在多处转换、颠换和缺失。四川水牛痒螨株同四川兔痒螨株间及国外痒螨分离株间的 ITS-2 基因同源性较低(87.1% ~ 88.0%);而四川兔痒螨株与国外痒螨分离株的同源性较高(95.5% ~ 100.0%)。用痒螨 ITS-2 基因构建的 MP,NJ,ME 及 UPGM 树中,兔痒螨株和水牛痒螨株在不同的系统树中其位置比较固定,且两者相距均较远。根据痒螨 ITS-2 基因同源性分析和系统树构建结果以及其他已报道的相关证据,作者认为:兔痒螨株和水牛痒螨株可能为痒螨属 *Psoroptes* 中两个不同的种,兔痒螨分离株为马痒螨 *P. equi*;而水牛痒螨株与来自兔、山羊、绵羊和黄牛等痒螨株亲缘关系较远,可能为痒螨属中的另一个独立有效种。

**关键词**:痒螨;痒螨株;分类地位;兔;水牛;第二内部转录间隔区(ITS-2);系统发育

**中图分类号**:S187 **文献标识码**:A **文章编号**:0454-6296(2008)05-0545-06

# Nucleotide variation in rDNA ITS-2 differentiates *Psoroptes* isolates from rabbits and buffalo

JIA Xiao-Yong[1], YANG Guang-You[1,*], GU Xiao-Bin[1], LAI Song-Jia[2] (1. College of Veterinary Medicine, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014 China; 2. College of Animal Science and Technology, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China)

**Abstract**: To clarify the taxonomic status of *Psoroptes* isolates from rabbits and buffalo, the second internal transcribed spacer (ITS-2) of the rRNA gene was investigated for the first time based on specimens of two isolates collected from rabbit and buffalo in Sichuan province, S. W. China, and compared with the homologous genes of other five *Psoroptes* isolates from other countries deposited in GenBank. The results of sequence analysis indicated that the lengths of ITS-2 in rabbit and buffalo isolates were 277 bp and 281 bp, respectively. There were many transitions, transversions and deletions in nucleotide sequences. Homology analyses indicated that the identity levels of nucleotide of ITS-2 between the buffalo isolate from Sichuan and other isolates from abroad ranged from 87.1% to 88.8%, while the gene homology of ITS-2 between the rabbit isolate from Sichuan and other isolates from abroad ranged from 95.5% to 100.0%. The topology of the phylogenetic trees based on ITS-2 gene revealed that the position of *Psoroptes* isolates from rabbits and buffalo was relatively fixed whether parsimony distance or likelihood methods were used. The phylogenetic analysis showed that the distance between *Psoroptes* isolates from rabbit and buffalo was relatively far. The results combined with reported evidences suggest that *Psoroptes* isolates from rabbits and buffalo may be two different species, namely the *Psoroptes* isolate from rabbit should belong to *P. equi*, while the *Psoroptes* isolate from buffalo may be another valid species in *Psoroptes*.

---

**基金项目**:四川省学术带头人培养基金资助项目(SS-035)

**作者简介**:贾小勇,女,1981 年生,四川富顺人,硕士,现在北京实验动物研究中心工作, E-mail:jxy_915@sina.com

* **通讯作者** Author for correspondence, Tel.:0835-2885994;E-mail:guangyou1963@yahoo.com.cn

**收稿日期** Received:2007-10-16;**接受日期** Accepted:2008-02-25

**Key words**：*Psoroptes*；*Psoroptes* isolates；taxonomic status；rabbit；buffalo；second internal transcribed spacer（ITS-2）；phylogeny

痒螨是蛛形纲、蜱螨亚纲、真螨目、痒螨科(Psoroptidae)、痒螨属 *Psoroptes* 的螨类，寄生于动物皮肤表面引起以结痂、脱毛、皮肤肥厚、剧痒和消瘦等为特征的一类接触、传染性皮肤病。该属螨类呈世界性分布，可危害的动物包括马、水牛、黄牛、奶牛、绵羊、山羊和兔等家畜及多种野生动物(徐玉辉等，2004)。

长期以来，动物寄生痒螨的分类一直存在争议。由于宿主与地理环境等因素所导致的遗传变异，传统的形态与生物学分类研究方法在一些寄生类群的近缘种的分类鉴定中的局限性日益明显。近年来随着分子生物技术的发展，分子标记技术在国外已应用于动物寄生螨类的分类学研究。Zahler 等(1998，2000)综合形态、生物学和 ITS-2 序列分析等多个方面探讨了来自包括德国、英国、意大利、美国和荷兰等 10 个国家的兔、山羊、绵羊和牛的痒螨属 *Psoroptes* 中各虫种的关系，认为寄生于动物的 5 种痒螨是同一个种。此后，国外一些学者亦采用分子遗传标记方法(主要为 ITS-2 序列分析)对来自不同宿主和地理环境的痒螨株间的亲缘关系进行了研究(Ochs *et al*.，1999；Ramey *et al*.，2000；Pegler *et al*.，2005)。我国动物寄生痒螨的分子分类尚无研究报道。为此，我们在完成兔痒螨和水牛痒螨形态学比较研究的基础上(贾小勇等，2006)，开展了兔痒螨和水牛痒螨 ITS-2 基因的扩增与序列分析研究。

## 1 材料与方法

### 1.1 痒螨样品的获取与保存

水牛痒螨株采自四川患痒螨病的水牛体表。用镊子将水牛体表的痂皮取下，将皮屑放入培养皿内置于 37℃温箱中 1.5～2 h，收集皮屑中的痒螨，经形态学鉴定确认后，－70℃保存。

兔痒螨株采自四川农业大学兔场患痒螨病的獭兔耳道内，按水牛痒螨株的收集方法进行虫体收集，经形态学鉴定确认后，－70℃保存。

### 1.2 痒螨基因组 DNA 的提取

DNA 提取过程参照 Zahler 等(1999)提取疥螨基因组 DNA 的方法，稍加改进。从－70℃取出约 300 头痒螨置于预冷研钵中，充分研磨，将虫体粉末悬浮于 400 uL 裂解液(50 mmol/L Tris-HCl(pH8.0)，1 mmol/L EDTA，0.5% SDS，pH 8.5)、10 uL 10 mg/mL 蛋白酶 K 中，混匀后置于 56℃保温 3 h。依次用等体积的 Tris 饱合酚、酚、氯仿/异戊醇进行提取，收集上清液，加入 2 倍体积的预冷无水乙醇，混匀后置于－20℃ 3 h，12 000 r/min 离心，用 70% 乙醇洗涤 1 次，37℃干燥后，加入 30 uL TE(pH 8.0)室温溶解 DNA。DNA 于－20℃保存备用。

### 1.3 PCR 扩增

根据 Zahler 等(1999)发布的痒螨 ITS-2 基因序列设计引物，设计引物的全长为 20 个碱基，引物由上海生物工程公司合成。引物序列如下：

M1：5′- TCT AAC GCA TAT TGC AGC CA -3′

M2：5′-TTC AGG GGG TAA TCT CGC TT -3′

参照上海生物工程公司 PCR 扩增试剂盒(SK1492)的使用说明，在 50 μL 反应体系中依次加入以下组分，5.0 μL 10 × PCR Buffer，4.0 μL $MgCl_2$，5.0 μL dNTPs Mixture，引物(10 pmol/μL)各 2.0 μL，模板 1.0 μL，0.5 μL Taq 酶(5 U/μL)，加水至 50 μL。

95℃预变性 3 min，95℃变性 1 min，48℃退火 1 min，72℃延伸 2 min(35 个循环)。72℃最后延伸 10 min。将扩增产物在 1.0% 琼脂糖凝胶(已加入 Greenview)中电泳 20 min(80 V)后检查结果。

### 1.4 扩增 DNA 片断的克隆与筛选

用干净刀片切割下预期大小的 DNA 片段后，用 UNIQ-10 柱式 DNA 胶纯化试剂盒纯化(具体操作方法参加试剂盒说明书)。然后将纯化产物连接入 $pMD_{18}$-T(具体方法参见试剂盒说明书)。DNA-$pMD_{18}$-T 菌液送上海英俊公司测序。

### 1.5 ITS-2 序列分析与系统进化树构建

将测序正确序列用 BioEdit(Version 6.0.7)进行人工辅助校对，再分别利用 Clustal X 1.83 及 DNAMAN5.0 软件进行同源性比较，Mega 2.0 软件进行物种间系统发育树的构建，并进行重复 1 000 次的自举检验(Bootstrap test)。

## 2 结果

### 2.1 水牛痒螨株和兔痒螨株 ITS-2 基因序列分析

不同螨种按个体重复测序 3 次，各次测序结果均相同。扩增出的水牛痒螨株和兔痒螨株 ITS-2 全基因序列长度分别为 281 bp 和 277 bp(GenBank 中

登录号分别为：EF025929 和 EF025930)。选用 GenBank 中已注册的痒螨各分离株 ITS-2 基因序列(表 1)，利用 MegAlign 计算序列的相似百分数(percent identity)和分歧度(divergence)，结果见表 2。测定的水牛痒螨株(EF025929)和兔痒螨株(EF025930)的 ITS-2 序列间的同源性仅为 88.0%，其中存在多处转换、颠换和缺失(表 2、图 1)。将水牛痒螨株 ITS-2 基因序列与 GenBank 中注册的日本和瑞士的兔、绵羊痒螨分离株 ITS-2 基因序列进行比较，其同源性在 87.1%～88.0%之间；而将兔痒螨株 ITS-2 基因序列与 GenBank 中注册的日本和瑞士的兔和绵羊痒螨分离株 ITS-2 基因序列作比较，其同源性在 95.5%～100.00%之间，明显高于水牛痒螨株与其它动物痒螨分离株的同源性(表 2)。

**表 1　各痒螨分离株的宿主与地理来源**

**Table 1　Host and geographic origin of Psoroptes isolates used in this study**

| 分离株代码 Isolate code* | 宿主 Host | 地理来源 Geographic origin |
|---|---|---|
| AB105019 | 兔 Rabbit | 日本东京 Tokyo，Japan |
| AB105020 | 兔 Rabbit | 日本东京 Tokyo，Japan |
| AB105021 | 兔 Rabbit | 日本东京 Tokyo，Japan |
| AF123079 | 绵羊 Sheep | 瑞士 Switzerland |
| AF123080 | 兔 Rabbit | 瑞士 Switzerland |
| EF025929 | 水牛 Buffalo | 中国 China |
| EF025930 | 兔 Rabbit | 中国 China |

*ITS-2 基因的 GenBank 登录号用作分离株代码；下同。GenBank accession no. of ITS-2 gene is used as isolate code. The same below.

**表 2　本研究使用痒螨株 ITS-2 基因的相似百分度(上三角)和分歧度(下三角)**

**Table 2　The percent identity (above diagonal) and divergence (below diagonal) of ITS-2 gene between *Psoroptes* isolates used in this study**

| | EF025930 | EF025929 | AF129080 | AF129079 | AB105021 | AB105020 | AB105019 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| EF025930 | – | 88.0 | 100.0 | 99.6 | 95.5 | 98.7 | 98.6 |
| EF025929 | 13.1 | – | 88.0 | 88.0 | 87.1 | 87.6 | 87.2 |
| AF129080 | 0.0 | 13.1 | – | 99.6 | 95.5 | 98.7 | 98.6 |
| AF129079 | 0.4 | 13.1 | 0.4 | – | 95.5 | 98.2 | 98.2 |
| AB105021 | 4.7 | 14.2 | 4.7 | 4.7 | – | 95.0 | 94.0 |
| AB105020 | 1.4 | 13.6 | 1.4 | 1.8 | 5.2 | – | 97.2 |
| AB105019 | 1.4 | 14.0 | 1.4 | 1.9 | 6.3 | 2.8 | – |

### 2.2　痒螨 ITS-2 基因系统树的构建

以疥螨科(Sarcoptidae)疥螨属 *Sarcoptes* 的兔疥螨株(登录号：DQ991138)作为外群，同时选用 GenBank 公布的动物痒螨分离株(登录号：AB105019，AB105020，AB105021，AF123079 和 AF123080)和痒螨科足螨属 *Chorioptes* 的马足螨分离株(登录号：EF191372)相应序列构建 ITS-2 系统树(图 2)。

我们同时构建了 MP 树、NJ 树、ME 树和 UPGMA 树，这 4 种系统树均具有相似的拓扑结构，各个螨虫分离株在进化树中的位置无较大的变化，因此我们在本文中只显示出 NJ 树。从图 2 可见，水牛痒螨株与兔痒螨株的距离较远，自举值较高(为 86)；兔痒螨株与其他痒螨株始终聚居在一起，这表明兔痒螨株与其它动物的痒螨株(日本和瑞士的兔、绵羊痒螨分离株)亲缘关系较近；而水牛痒螨株与其它动物的痒螨株(日本和瑞士的兔、绵羊痒螨分离株)亲缘关系较远。

## 3　讨论

### 3.1　目前对各种动物体表寄生的痒螨的种级分类尚存在一定争议

Sweatman(1958)通过整理前人的研究资料，根据形态特征(主要是虫体末体最外侧刚毛长度 OOSL)、宿主特异性与寄生部位将痒螨分为兔痒螨 *P. cuniculi*、鹿痒螨 *P. cervinus*、水牛痒螨 *P. natalensis*、马痒螨 *P. equi* 和绵羊痒螨 *P. ovis* 5 个种，并被一些学者采用(Wright *et al.*，1984；Strong and Halliday，1992)。但有学者研究认为，痒螨末体最外侧刚毛长度(OOSL)和瘤状结节均不能成为主要的分类依据(Boyce *et al.*，1990)。此后，一些学者亦发现不同宿主体上的痒螨可相互感染，如绵羊痒螨可以感染牛和家兔，兔痒螨可以感染牛等，这说明宿主特异性也不是分类的有效依据(Meleney，1967；Killwood，1985；Robert *et al.*，1970；Wright，1982)。Bates(1999)曾通过对痒螨间的交叉感染性、宿主特异性、寄生部位、形态特征、流行病学以及对不同杀虫剂的敏感性作比较研究后认为兔痒螨和绵羊痒螨是同一个物种的不同变种。因此，有些学者提出各种痒螨中马痒螨是最先被命名的，故各类痒螨都应该依照马痒螨 *P. equi* 命名(Zahler *et al.*，2000)。

### 3.2　兔痒螨和水牛痒螨为不同种的结论与笔者形态学观察结果一致

```
AB105019      TTCGAACGCATATTGCAGCCACTGGATATCCGATGGCTTC     40
AB105020      ------------------------------t-g-------     40
AB105021      --------------------------------g-------     40
EF025929      ---t----------------------------g---t---     40
EF025930      .--t-----------------c---------gg------      39
AB105019      GTTTGTCTGAGCGTCGTATACAATATGTTCA...AACAAG     77
AB105020      -------------------------------...-----a     77
AB105021      ----------------------------c--...-----a     77
EF025929      -------------------------------taa-----t     80
EF025930      -------------------------------...-----a     76
AB105019      TTGAAGATTTGCTCGTCGCGATTTGTTTTGCGTCGTCAAA    117
AB105020      -------------------------------------g--    117
AB105021      ----------------------------------------    117
EF025929      -----------t-------c--------g--------g--    120
EF025930      ----------------------------------------    116
AB105019      TCAAATCAAACGAATGATGCTGCTTGACCTTACGTGATTC    157
AB105020      ----g------a------------.---------------    156
AB105021      ----g------a------------.---------------    156
EF025929      ----t------a-t-----a----.---------------    159
EF025930      ----g------a------------.---------------    155
AB105019      GAAATGTGGCTTTGTTGCACATTCTCACGAAAGGTATTTG    197
AB105020      --------------ac------------------------    196
AB105021      --------------a-------------------------    196
EF025929      ----------------------------------------    199
EF025930      ----------------------------------------    195
AB105019      GCGTTTCCTGCCGAACACCTGTGAATGTGTGCCCATTGAA    237
AB105020      ----------------------------------------    236
AB105021      ----------------------------------------    236
EF025929      --------a---c--------a------------------    239
EF025930      ----------------------------------------    235
AB105019      TTGCCGGTCACTTGTCATCATTGTATATTAATTTAAAATT    277
AB105020      ----------------------------------------    276
AB105021      -c---------------...----t---c-t-a-tt----    273
EF025929      --a---c-----------tg-gt-ca------g-t-----    279
EF025930      ----------------------------------------    275
AB105019      GT                                          279
AB105020      --                                          278
AB105021      --                                          275
EF025929      t-                                          281
EF025930      --                                          277
```

**图 1　5 株痒螨的 ITS-2 基因序列比较**

Fig. 1　Comparison of ITS-2 gene sequences of 5 *Psoroptes* isolates

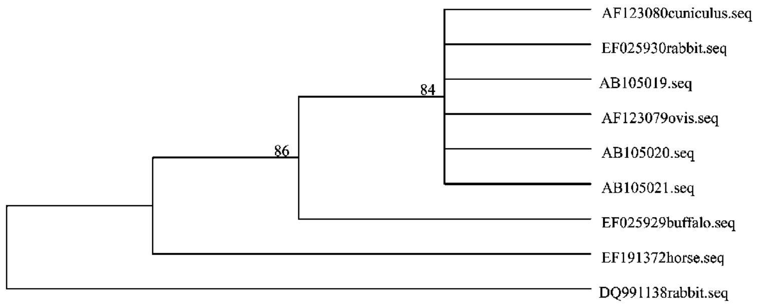


**图 2　基于痒螨 ITS-2 基因构建的 Kimura 双参模型 NJ 系统树**

Fig. 2　NJ trees of *Psoroptes* species group based on ITS-2 gene using all substitutions

支上的数值为 958 次重复抽样获得的置信度。Number beyond every branch is the percentage bootstrap value of 958 replications.

笔者曾采用光学显微镜与扫描电子显微镜相结合对水牛痒螨（分离自水牛）和兔痒螨（分离自兔）的形态作了比较研究，水牛痒螨的若螨和成螨期虫体均比兔痒螨小，且水牛痒螨和兔痒螨雄螨的尾部构造亦存在明显的区别：水牛痒螨雄螨尾部瘤状突起上有长刚毛 3 根，长短相似，较粗呈长柳叶状；短刚毛 2 根，较细；瘤状突起的末端稍尖。而兔痒螨雄螨尾部瘤状突起长有 5 根刚毛，其中 3 根短刚毛，2 根长刚毛，均为圆柱状，且 2 根长刚毛着生部位有明显的小结节，瘤状突起末端稍钝（贾小勇等，2006 ）。从传统的形态学分类来看，水牛痒螨和兔痒螨应为两个不同的虫种。

### 3.3　分子标记方法解决动物寄生痒螨的物种关系尚需更多的 DNA 序列资料

节肢动物 rDNA 由串连、双向的中等重复序列组成，包括 18S，5.8S 和 28S rDNA 的编码序列和 2 个转录间隔区内部序列（ITS-1 和 ITS-2）。ITS 区属于非编码区，受到的选择压力较小，进化速率较快，在绝大多数的真核生物物种中表现出高度的多态性，同时 ITS 序列长度适中，人们可以从不太长的序列中获得足够的遗传信息。因此 rDNA 的 ITS 区域是非常有用的物种鉴定分子标记，常用来鉴别一些难以用形态学方法鉴别的近缘物种的关系（Ainouche and Bayer，1997；余道坚等，2003）。

有人探讨了来自包括德国、英国、意大利、美国、荷兰等 10 个国家的兔、山羊、绵羊和黄牛的耳或躯体上的痒螨株 *Psoroptes* 的亲缘关系，根据刚毛长度不同可将这些痒螨样品为 3 个种，即兔痒螨 *P. cuniculi*、绵羊痒螨 *P. ovis* 和鹿痒螨 *P. cervinus*；但经 ITS-2 序列分析发现这些来自不同洲的痒螨样品的 ITS-2 序列同源性高达 96.1%，因此认为来自兔、山羊、绵羊和牛的痒螨是同一个种（Zahler *et al.*，1998）。从传统的形态学分类来看兔痒螨 *P. cuniculi*（分离自兔）和绵羊痒螨 *P. ovis*（分离自羊）的刚毛长度有所差别，应分为 2 个不同的虫种。但用 ITS-2 序列作为遗传标记对来自瑞士不同地理环境中兔和羊的痒螨株 *Psoroptes* 的亲缘关系进行研究，发现不同羊体上的痒螨株 ITS-2 碱基组成完全相同，其序列与兔痒螨株的碱基组成仅有 1 个核苷酸的差异，分离自绵羊的痒螨与分离自家兔的痒螨同源性高达 99.6%，这表明兔痒螨和羊痒螨是同一个种（Ochs *et al.*，1999）。同时，一些学者利用 ITS-1（核糖体第一内部转录间隔区基因）、ITS-2 和小随体标记等基因分析方法对来自不同宿主体上的痒螨进行了研究，研究结果亦表明来自不同宿主的痒螨之间其基因序列只有一点或无显著区别，应为同一个种（Ramey *et al.*，2000；Pegler *et al.*，2005）。不同宿主体上的痒螨所观察到的形态变异，说明痒螨对不同微环境具有很强的适应性，并通过不同的表型表现出来。可见，用分子生物学方法来解决痒螨属的动物寄生痒螨的确切物种数，依然有待更多的基因序列资料。

### 3.4　在分子系统学研究中，对物种分类地位的评价一般是以序列间的分歧程度或者遗传距离为依据

同源性分析结果表明，中国四川的兔痒螨株 ITS-2 序列与 GenBank 中注册的日本和瑞士的兔、绵羊痒螨分离株 ITS-2 序列同源性较高（范围为 95.5% ~ 100.0%），其株间差异很小；而中国四川水牛痒螨株（EF025929）与 GenBank 中注册的日本和瑞士的兔、绵羊痒螨分离株同源性相对较低（范围为 87.1% ~ 88.0%），同中国四川兔痒螨分离株同源性也仅为 88.0%，其株间差异较大。

目前一般通过比较不同方法所构建的系统树，如得到一致的树，说明收集的数据可靠，得到的系统树也较可靠。我们同时构建了 MP 树、NJ 树、ME 树和 UPGMA 树，这 4 种系统树均具有相似的拓扑结构，各个螨虫分离株在进化树中的位置也无较大变化。从我们构建的进化树来看，兔痒螨分离株同日本和瑞士的兔、绵羊痒螨分离株聚类在一起，具有较近的亲缘关系，它们应属于同一个种；而水牛痒螨分离株在聚类群中形成独立支系，与日本和瑞士的兔、绵羊痒螨分离株亲缘关系较远，说明水牛痒螨株与其它动物痒螨株可能分属不同种类。

德国学者 Zahler 等（2000）认为，过去普遍接受的 5 种动物寄生痒螨是同种，即马痒螨 *P. equi*，另 4 种为其异名；但最近有学者又指出，绵羊痒螨 *P. ovis* 发表在前而应为有效种名，*P. equi* 为其异名（Wall and Kolbe，2006）。据笔者形态学和分子遗传学研究结果来看，认为采自中国四川的兔痒螨株与国外报道的来自兔、山羊、绵羊和黄牛等动物痒螨株为同一个种，均为马痒螨 *P. equi*，其与绵羊痒螨 *P. ovis* 的关系暂不定论；而水牛痒螨株则可能为痒螨属中的另一个独立有效种。

## 参 考 文 献（References）

Ainouche ML，Bayer RJ，1997. On the origins of the tetraploid *Bromus* species（section *Bromus*，Poaceae）：insights from internal transcribled spacer sequences of nuclear ribosomal DNA. *Genome*，40（5）：730 –

743.

Bates PG，1999. Inter- and intra-specific variation within the genus *Psoroptes* (Acari：Psoroptidae). *Veterinary Parassitology*，83(3-4)：201-217.

Jia XY，Yang GY，Zhang XQ，2006. Study on the morphology of *Psoroptes natalensis* and *Psoroptes cuniculi*. *Acta Parasitologica et Medica Entomologica Sinica*，13(4)：221-225. [贾小勇，杨光友，张晓谦，2006. 水牛痒螨和兔痒螨的形态观察. 寄生虫与医学昆虫学报，13(4)：221-225]

Kilkwood AC，1985. Some observations on the biology and control of the sheep scab mite *Psoroptes ovis* (Hering) in Britain. *Veterinary Parasitology*，18(3)：269-279.

Meleney WP，1967. Experimentally induced bovine psoroptic acariasis in rabbits. *American Journal of Veterinary Research*，28(124)：892-894.

Ochs H，Mathis A，Deplazes PD，1999. Single nucleotide variation in rDNA ITS-2 differentiates *Psoroptes* isolates from sheep and rabbits from the same geographical area. *Parasitology*，119(Pt 4)：419-424.

Pegler KR，Evans L，Stevens JR，2005. Morphological and molecular comparison of host-derived populations of parasitic *Psoroptes* mites. *Medical and Veterinary Entomology*，19 (4)：392-403.

Ramey RR，Kelley ST，Boyce WM，Farrell BD，2000. Phylogeny and host specificity of psoroptic mange mites (Acarina：*Psoroptidae*) as indicated by ITS sequence data. *J. Med. Entomol.*，37(6)：791-796.

Roberts IH，Meleney WP，Pillmore RE，1970. Ears-cab mites，*Psoroptes cuniculi* (Acarina：Psoroptes)，in captive mule deer. *Journal of Parasitology*，56(5)：1 039-1 040.

Strong KL，Halliday RB，1992. Biology and host specificity of the genus *Psoroptes* Gervais (Acarina：Psoroptidae) with reference to its occurrence in Australia. *Exp. Appl. Acarol.*，15：153-169.

Sweatman GK，1958. On the life history and validity of the specials in *Psoroptes*，a genus of manage mites. *Canadian Journal of Zoology*，36：905-929.

Boyce W，Elliott L，Clark R，Jessup D，1990. Morphometric analysis of *Psoroptes* spp. mites from bighorn sheep，mule deer，cattle，and rabbits. *Journal of Parasitology*，76(6)：823-828.

Wall R，Kolbe K，2006. Taxonomic priority in *Psoroptes* mange mites：*P. ovis* or *P. equi*? *Exp. Appl. Acarol.*，39：159-162.

Wright FC，Riner JC，Fisher WF，1984. Comparison of lengths of outer opisthosomal setae of male psoroptic mited collected from various hosts. *Journal of Parasitology*，70：141-143.

Wright FC，1982. Rearing of *Psoroptes cuniculi* (Delafond) on cattle. *Southwest Entomol.*，7(4)：235-239.

Xu YH，Yang GY，Lai SJ，2004. Andvance in animal psoroptic acariasis. *Chinese Journal of Husbandry and Veterinary Science*，31(10)：42-44. [徐玉辉，杨光友，赖松家，2004. 动物痒螨病研究进展. 中国畜牧兽医，31(10)：42-44]

Yu DJ，Deng ZP，Kang L，2003. Insect molecular marker genes and sequences and their application. *Plant Quarantine*，17(3)：156-159. [余道坚，邓中平，康林，2003. 昆虫分子标记基因和序列及应用. 植物检疫，17(3)：156-159]

Zahler M，Essig A，Gothe R，Rinder H，1999. Molecular analyses suggest monospecificity of the genus *Sarcoptes* (Acari：Sarcoptidae). *International Journal for Parasitology*，29(5)：759-766.

Zahler M，Essig A，Gothe R，1998. Genetic evidence suggests that *Psoroptes* isolates of different phenotypes，hosts and geographic origins are conspecific. *International Journal for Parasitology*，28(11)：1 713-1 719.

Zahler M，Hendrikx WM，Essig A，Rinder H，Gothe R，2000. Species of genus *Psoroptes* (Acari：Psoroptidae)：a taxonomic consideration. *Experimental and Applied Acarology*，24(3)：213-225.

（责任编辑：袁德成）